

(19)



Europäisches Patentamt  
European Patent Office  
Office européen des brevets

(11) Veröffentlichungsnummer:

**0 171 024**  
**A1**

(12)

# EUROPÄISCHE PATENTANMELDUNG

(21) Anmeldenummer: 85109567.9

(22) Anmeldetag: 30.07.85

(51) Int. Cl.: **C 12 N 15/00, C 12 P 21/02,**  
**C 12 P 19/34, C 07 K 7/10,**  
**C 12 N 1/20**  
**// C12R1:19**

(30) Priorität: 10.08.84 DE 3429430

(43) Veröffentlichungstag der Anmeldung: 12.02.86  
Patentblatt 86/7

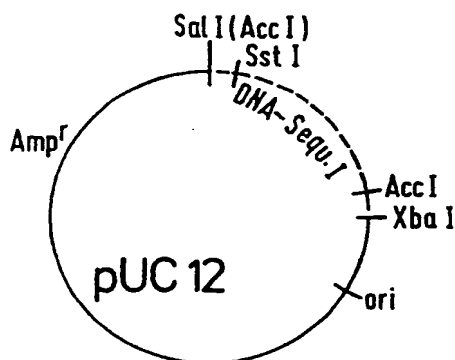
(84) Benannte Vertragsstaaten: AT BE CH DE FR GB IT LI LU  
NL SE

(71) Anmelder: HOECHST AKTIENGESELLSCHAFT,  
Postfach 80 03 20, D-6230 Frankfurt am Main 80 (DE)

(72) Erfinder: Brauer, Dieter, Dr., Berliner Strasse 14,  
D-6093 Flörsheim am Main (DE)  
Erfinder: Engels, Joachim, Prof. Dr., Feldbergstrasse 1,  
D-6242 Kronberg/Taunus (DE)  
Erfinder: Habermann, Paul, Dr., Heimchenweg 80,  
D-6230 Frankfurt am Main 80 (DE)  
Erfinder: Uhlmann, Eugen, Dr., Washington Street 287,  
Belmont, Mass. 02178 (US)  
Erfinder: Wengenmayer, Friedrich, Dr., Am  
Seyenbach 38, D-6238 Hofheim am Taunus (DE)

(54) Gentechnologisches Verfahren zur Herstellung von Hirudinen und Mittel zur Durchführung dieses Verfahrens.

(57) Mit Hilfe einer speziellen DNA-Sequenz kann in einem gentechnologischen Verfahren Hirudin gewonnen werden. Das Gen wird vorteilhaft in Form mehrerer Fragmente synthetisiert, die enzymatisch zu zwei grösseren Teilsequenzen ligiert werden, welche in Hybridplasmide eingebaut und in Wirtsorganismen amplifiziert werden. Nach Reisolierung der Teilsequenzen werden diese zum Gesamtgen vereinigt, in ein Hybridplasmid eingebaut und dieses in einem Wirtsorganismus zur Expression gebracht.

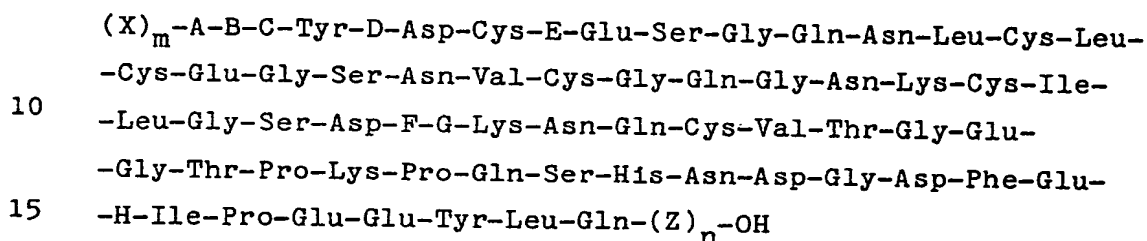


EP 0 171 024 A1

Gentechnologisches Verfahren zur Herstellung von Hirudinen  
und Mittel zur Durchführung dieses Verfahrens

Hirudin ist ein aus *Hirudo medicinalis* gewonnenes Polypeptid, das eine spezifische Antithrombin-Aktivität zeigt und als Antikoagulans dient.

- 5 Es wurde nun gefunden, daß sich Polypeptide der allgemeinen Formel I



(I)

- in welcher
- 20 m= 0 - 50,  
n= 0 - 100 und
- X für gleiche oder verschiedene Reste genetisch codierbarer Aminosäuren steht,
- 25 A Ile oder eine direkte Bindung,  
B Ile, Thr oder eine direkte Bindung,  
C Thr, Val, Ile, Leu oder Phe,  
D Thr oder eine direkte Bindung,  
E Thr oder Ile,
- 30 F Gly oder eine direkte Bindung,  
G Glu oder eine direkte Bindung,  
H Glu oder Pro bedeuten, und  
Z für gleiche oder verschiedene Reste genetisch codierbarer Aminosäuren steht und

in der gegebenenfalls jeweils 2 der 6 Cys-Reste über Disulfid-Brücken verknüpft sind, auch gentechnologisch herstellen lassen, wenn man in ein Expressionsplasmid ein Gen einbaut, das für ein Polypeptid der Formel I oder  
5 Teilsequenzen davon codiert. Dieses wird im folgenden auch als "Hirudin" bezeichnet.

Das erforderliche Gen kann nach bekannten Methoden chemisch synthetisiert, aus dem Genom isoliert und  
10 prozessiert werden oder aus induzierten Zellen nach bekannten Methoden die mRNA isoliert und hieraus die cDNA gewonnen werden.

Bevorzugt ist der Weg über die cDNA und vor allem  
15 die chemische Synthese, insbesondere nach der Phosphit-Methode. Bevorzugt ist weiterhin die Synthese eines Gens, welches für das Polypeptid der Formel I codiert, in welcher m 1 und n Null ist, X für Met oder Arg, B für Thr oder eine direkte Bindung, C für Thr und G für Glu  
20 stehen. Eine weitere bevorzugte Ausführungsform der Erfindung betrifft Polypeptide der Formel I, in der  $(X)_m$ -A-B-C- nicht für Val-Val steht, wenn n Null ist, D und E Thr, F Gly und G und H Glu bedeuten.

25 Besonders bevorzugt ist die Synthese von Polypeptiden der Formel I, in denen m 1 ist, X Met oder Arg, A und B direkte Bindungen, C, D und E Thr, F Gly, G und H Glu und n Null bedeuten. Die hierfür bevorzugte DNA-Sequenz I ist im Anhang wiedergegeben und dient im folgenden zur Erläuterung der Erfindung.  
30

Der genetische Code ist bekanntlich "entartet", d.h. daß nur für zwei Aminosäuren eine einzige Nucleotid-Sequenz codiert, während den restlichen 18 genetisch codierbaren  
35 Aminosäuren 2 bis 6 Tripletts zuzuordnen sind. Von den hierdurch gegebenen Variationsmöglichkeiten machen außerdem die Wirtszellen unterschiedlicher Spezies nicht

immer den gleichen Gebrauch. Für die Synthese der Gene besteht somit eine unübersehbare Vielfalt von Codon-Möglichkeiten.

- 5 Es wurde nun gefunden, daß die DNA-Sequenz I (Anhang), die für die gesamte Aminosäuresequenz codiert, sowie die zur Synthese der Sequenz I benutzten DNA-Teilsequenzen II A und II B besonders vorteilhaft für die gentechnologische Synthese der besonders bevorzugten Form des
- 10 Hirudin sind. Am 5'-Ende des codierenden Stranges der DNA-Sequenz I befindet sich eine "überhängende" DNA-Sequenz, entsprechend der Restriktionsendonuclease XbaI, am 3'-Ende des codierenden Stranges dagegen die einzelsträngige, überhängende Sequenz entsprechend dem
- 15 Restriktionsenzym Sal I. Diese beiden unterschiedlichen Erkennungssequenzen gewährleisten die Insertion der DNA in Plasmide in der gewünschten Orientierung. (Es ist aber auch möglich, gleiche Erkennungssequenzen zu wählen und nach Charakterisierung der Plasmid-DNA mittels ent-
- 20 sprechender Restriktions- oder DNA-Sequenzanalyse oder durch Expression eine entsprechende Selektion vorzunehmen).

- Zwischen diesen Erkennungssequenzen und den Codons für die Aminosäurefolge befindet sich am 5'-Ende des codierenden
- 25 Stranges das Codon für die Aminosäure Methionin (das in der DNA-Sequenz I mit 0 beziffert ist). Alternativ hierzu kann eine Praesequenz (auch Signal- oder leader-Sequenz genannt) eines bakteriellen oder sonstigen wirtseigenen Proteins stehen (Übersichtsartikel: Perlman und Halvorson;
- 30 J. Mol. Biol. 167 (1983), 391), welche die Sekretion des gewünschten Polypeptids aus dem Cytoplasma bewirkt und bei diesem Exkretionsprozeß von einer in der Wirtszelle natürlich vorkommenden Signal-Peptidase abgespalten wird. Am
- 35 Ende des codierenden Stranges folgen dann erfindungsgemäß auf das für Glutamin codierende Triplett ein Stop-Codon oder bevorzugt - wie in der DNA-Sequenz I dargestellt -

zwei Stop-Triplets. Zwischen diesen stop-codons und dem überhängenden SalI-Ende ist zusätzlich in der DNA-Sequenz I eine Nucleotidsequenz entsprechend dem Restriktionsenzym SstI eingebaut.

5

Eine interne singuläre Schnittstelle für das Restriktionsenzym Bam HI (im Codon 30/31) ermöglicht die Subklonierung zweier Genfragmente HIR-I und HIR-II (siehe DNA-Sequenz II), die in gut untersuchte Klonierungsvektoren, wie etwa

10

pBR 322, pUC 8 oder pUC 12, eingebaut werden können. Zusätzlich wurden innerhalb des Gens eine Reihe von weiteren singulären Erkennungssequenzen für Restriktionsenzyme eingebaut, die einerseits einen Zugang zu Teilsequenzen des Hirudin schaffen und andererseits die Durchführung von

15

Variationen erlauben (Tabelle 1):

Tabelle 1:

	Restriktions-	Schnitt nach Nucleotid-Nr.
20	enzym	(codierender Strang)
	Rsa I <sup>a)</sup>	8
	Acc I	12
	Hinf I	27
	Xho II <sup>a)</sup>	57
25	Fnu 4 HI	71
	Hae III	73
	Bst NI	75
	Hph I	117
	Rsa I <sup>b)</sup>	137
30	Kpn I	139
	Taq I	172
	Xho II <sup>b)</sup>	178
	Dde I	184
	Mbo II	186
35	Sst I	210

a) singulär bezüglich der Teilsequenz HIR-I

b) " " " " HIR-II

Die DNA-Sequenz I läßt sich aus 14 Oligonucleotiden mit einer Länge von 25 bis 35 Nucleotiden aufbauen (siehe DNA-Sequenz II), indem diese zunächst chemisch synthetisiert und dann über "sticky ends" von 4 bis 6 Nucleotiden enzymatisch verknüpft werden.

Bei der DNA-Sequenz I wurde weiterhin berücksichtigt, daß bei denjenigen Aminosäuren, denen mehrere Codons zuzuordnen sind, diese nicht gleichwertig sind, sondern vielmehr in der jeweiligen Wirtszelle wie E. coli unterschiedliche Präferenzen zeigen. Weiterhin wurden palindromische Sequenzen auf ein Mindestmaß reduziert.

Die Genstruktur der DNA-Sequenz I ist somit leicht aus relativ kleinen Bausteinen zugänglich, ermöglicht die Subklonierung zweier Genfragmente in gut bekannte Vektoren und erlaubt deren Kombination zum Gesamtgen sowie gegebenenfalls Veränderungen derselben.

Je nach Einbau des synthetischen Gens in den Klonierungsvektor wird das erwünschte Peptid mit der Aminosäuresequenz des Hirudins unmittelbar (DNA-Sequenz IC) oder in Form eines Fusionsproteins mit einem bakteriellen Protein wie  $\beta$ -Galactosidase oder Partialsequenzen desselben exprimiert. Solche Fusionsproteine können dann in bekannter Weise chemisch oder enzymatisch gespalten werden. Steht beispielsweise in der Position 0 der Sequenz I die Aminosäure Methionin (DNA-Sequenz IA), so kann eine chemische Spaltung mit Bromcyan erfolgen, steht in dieser Position die Aminosäure Arginin (DNA-Sequenz IB), so kann eine enzymatische Spaltung mit Trypsin erfolgen.

Bevorzugte Variationen der Aminosäuresequenzen sind in der Tabelle 2 dargestellt, wobei m und n Null sind:

Tabelle 2:

	A	B	C	D	E	F	G	H
a)	Ile	Thr	Thr	Thr	Thr	Gly	Glu	Glu
b)	Ile	-	Thr	Thr	Thr	Gly	Glu	Glu
5 c)	Ile	-	Thr	Thr	Ile	Gly	Glu	Glu
d)	Ile	-	Thr	Thr	Thr	Gly	Glu	Pro
e)	Ile	-	Thr	Thr	Ile	Gly	Glu	Pro
f)	-	-	Thr	-	Thr	Gly	-	Glu
g)	-	-	Thr	Thr	Thr	Gly	-	Glu

10

Diese Modifikationen lassen sich nach Zusammensetzung des synthetischen Gens auf DNA-Ebene leicht durch Austausch der entsprechenden Genfragmente gegen de-novo-synthetisierte DNA-Sequenzen unter Ausnutzung entsprechender Restriktionsenzym-Schnittstellen realisieren.

15

Als Beispiel für eine Variation der Aminosäuresequenz sei das (bekannte) Polypeptid der Formel I genannt, in der m 1 ist, X und C für Val stehen, A und B direkte Bindungen darstellen, D und E Thr, F Gly, G und H Glu und n Null bedeuten. Diese Modifikation läßt sich auf der DNA-Ebene leicht über die Schnittstelle entsprechend dem Restriktionsenzym Acc I realisieren.

20

25 Der Einbau der synthetischen Gene bzw. Genfragmente in Klonierungsvektoren, beispielsweise in die handelsüblichen Plasmide pUC 8, pUC 12 und pBR 322 bzw. andere allgemein zugängliche Plasmide wie ptac 11 und pKK 177.3, erfolgt in an sich bekannter Weise. Auch können die chemisch synthetisierten Gene zuvor mit geeigneten chemisch synthetisierten Kontrollregionen versehen werden, die eine Expression der Proteine ermöglichen. Hierzu kann auf das Lehrbuch von Maniatis (Molecular Cloning, Maniatis et al., Cold Spring Harbor, 1982) verwiesen werden. Die Transformation der so erhaltenen Hybridplasmide in geeignete Wirtsorganismen, vorteilhaft E. coli, ist ebenfalls an sich

30

35

bekannt und in dem vorstehend genannten Lehrbuch eingehend beschrieben. Die Gewinnung des exprimierten Proteins und dessen Reinigung können nach an sich bekannten Verfahren erfolgen.

5

Die erfindungsgemäß erhaltenen Genfragmente HIR-I und HIR-II, die damit erhaltenen Hybridplasmide und die transformierten Wirtsorganismen sind neu und Gegenstand der Erfindung. Dasselbe gilt für aus der DNA-Sequenz I abgewandelte neue DNA-Sequenzen. Weitere Ausgestaltungen der Erfindung sind in den Patentansprüchen niedergelegt.

10

In den folgenden Beispielen werden noch einige Ausgestaltungen der Erfindung im einzelnen erläutert, woraus sich die Vielzahl der möglichen Abwandlungen und Kombinationen für den Fachmann ergeben. Prozentangaben beziehen sich hierbei auf das Gewicht, wenn nichts anderes angegeben ist.

15

## 20 Beispiele

### 1. Chemische Synthese eines einzelsträngigen Oligonucleotids

25

30

35

Am Beispiel des Genbausteins Ia, der die Nucleotide 1-32 des codierenden Strangs umfaßt, wird die Synthese der Genbausteine erläutert. Nach bekannten Methoden (M.J. Gait et al., Nucleic Acids Res. 8 (1980) 1081-1096)) wird das am 3'-Ende stehende Nucleosid, im vorliegenden Falle also Thymidin (Nucleotid Nr. 32), an Kieselgel (<sup>(R)</sup>FRACTOSIL, Firma Merck) über die 3'-Hydroxyfunktion covalent gebunden. Hierzu wird zunächst das Kieselgel unter Abspaltung von Ethanol mit 3-(Triethoxysilyl)-propylamin umgesetzt, wobei eine Si-O-Si-Bindung entsteht. Das Thymidin wird als 3'-O-Succinoyl-5'-dimethoxytritylether in Gegenwart von Paranitrophenol und N,N'-Dicyclohexylcarbodiimid mit dem



modifizierten Träger umgesetzt, wobei die freie Carboxygruppe der Succinoylgruppe den Aminorest der Propylamino-  
gruppe acyliert.

5 In den folgenden Syntheseschritten wird die Basenkomponente als 5'-O-Dimethoxytrityl-nucleosid-3'-phosphorigsäuremonomethylester-dialkylamid oder -chlorid eingesetzt, wobei das Adenin als N<sup>6</sup>-Benzoyl-Verbindung, das Cytosin als N<sup>4</sup>-Benzoyl-Verbindung, das Guanin als  
10 N<sup>2</sup>-Isobutyryl-Verbindung und das keine Aminogruppe enthaltende Thymin ohne Schutzgruppe vorliegen.

50 mg des polymeren Trägers, der 2 µmol Thymidin gebunden  
enthält, werden nacheinander mit den folgenden Agentien  
15 behandelt:

- a) Nitromethan,
- b) gesättigte Zinkbromidlösung in Nitromethan mit 1 %  
Wasser,
- 20 c) Methanol,
- d) Tetrahydrofuran,
- e) Acetonitril,
- f) 40 µmol des entsprechenden Nucleosidphosphits und 200  
µmol Tetrazol in 0,5 ml wasserfreiem Acetonitril (5  
25 Minuten),
- g) 20 % Acetanhydrid in Tetrahydrofuran mit 40 % Lutidin  
und 10 % Dimethylaminopyridin (2 Minuten),
- h) Tetrahydrofuran,
- i) Tetrahydrofuran mit 20 % Wasser und 40 % Lutidin,
- 30 j) 3 % Jod in Kollidin/Wasser/Tetrahydrofuran im Volumenverhältnis 5:4:1,
- k) Tetrahydrofuran und
- l) Methanol.

35 Unter "Phosphit" wird hierbei der Desoxyribose-3'-monophosphorigsäure-monomethylester verstanden, wobei die

5 dritte Valenz durch Chlor oder eine tertiäre Amino-  
gruppe, beispielsweise einen Morpholinorest, abgesättigt  
ist. Die Ausbeuten der einzelnen Syntheseschritte können  
jeweils nach der Detritylierungsreaktion b) spektropho-  
tometrisch durch Messung der Absorption des Dimethoxy-  
tritylkations bei einer Wellenlänge von 496 nm bestimmt  
werden.

10 Nach abgeschlossener Synthese des Oligonucleotids werden  
die Methylphosphatschutzgruppen des Oligomers mit Hilfe  
von p-Thiokresol und Triethylamin abgespalten.

15 Anschließend wird durch 3-stündige Behandlung mit  
Ammoniak das Oligonucleotid vom festen Träger abge-  
trennt. Eine 2- bis 3-tägige Behandlung der Oligomeren  
mit konzentriertem Ammoniak spaltet die Aminoschutz-  
gruppen der Basen quantitativ ab. Das so erhaltene Roh-  
produkt wird durch Hochdruckflüssigkeitschromatographie  
(HPLC) oder durch Polyacrylamid-Gelelektrophorese gerei-  
20 nigt.

Ganz entsprechend werden auch die übrigen Genbausteine  
Ib-IIh synthetisiert, deren Nucleotidfolge aus der DNA-  
Sequenz II hervorgeht.

25

2. Enzymatische Verknüpfung der einzelsträngigen Oligo-  
nucleotide zu den Genfragmenten HIR-I und HIR-II

30 Zur Phosphorylierung der Oligonucleotide am 5'-Terminus  
wurde je 1 nmol der Oligonucleotide Ib bis Ie mit 5 nmol  
Adenosintriphosphat mit vier Einheiten T4-Polynucleotid-  
Kinase in 20 µl 50 mM Tris-HCl-Puffer (pH 7,6), 10 mM  
Magnesiumchlorid und 10 mM Dithiothreitol (DTT) 30 Minu-  
ten bei 37°C behandelt. Das Enzym wird durch fünf-  
35 minütiges Erhitzen auf 95°C deaktiviert. Die Oligo-  
nucleotide Ia, If, IIa und IIh, welche in der DNA-  
Sequenz IIA und IIB die "überhängende" Sequenz bil-

den, werden nicht phosphoryliert. Dies verhindert bei der nachfolgenden Ligation die Ausbildung größerer Subfragmente als sie der DNA-Sequenz IIA oder IIB entsprechen.

5

Die Oligonucleotide Ia-If werden wie folgt zum Subfragment HIR-I ligiert: Je 1 mmol der Oligonucleotide Ia und If sowie der 5'-Phosphate von Ib, Ic, Id und Ie werden zusammen in 45 µl Puffer, enthaltend 50 mM Tris-HCl (pH 7,6), 20 mM Magnesiumchlorid, 25 mM Kaliumchlorid und 10 mM DTT, gelöst. Für das "Annealing" der Oligonucleotide gemäß DNA-Sequenz IIA wird die Lösung der Oligonucleotide 2 Minuten auf 95°C erhitzt und dann langsam (2-3 Stunden) auf 20°C abgekühlt. Zur enzymatischen Verknüpfung setzt man dann 2 µl 0,1 M DTT, 8 µl 2,5 mM Adenosintriphosphat (pH 7) sowie 5 µl T4-DNA-Ligase (2 000 Units) zu und inkubiert 16 Stunden bei 22°C.

10

15

20

Analog werden die Oligonucleotide IIB bis IIg phosphoryliert und dann mit den Oligonucleotiden IIA und IIh zusammen zum Subfragment HIR-II ligiert.

25

Die Reinigung der Genfragmente HIR-I und HIR-II erfolgt durch Gelelektrophorese auf einem 10%igen Polyacrylamidgel (ohne Harnstoffzusatz, 20 · 40 cm, 1 mm Dicke), wobei als Markersubstanz  $\phi$ X 174 DNA (Fa. BRL), geschnitten mit Hinf I, oder pBR 322, geschnitten mit Hae III, dient.

30

### 3. Herstellung von Hybridplasmiden, die die Genfragmente HIR-I und HIR-II enthalten

35

#### a) Einbau des Genfragmentes HIR-I in pUC 12

Das handelsübliche Plasmid pUC 12 wird in bekannter Weise mit den Restriktionsendonucleasen Xba I und

Bam HI nach den Angaben der Hersteller geöffnet.  
Der Verdauungsansatz wird auf einem 5%igen Polyacrylamidgel durch Elektrophorese in bekannter Weise aufgetrennt und die Bruchstücke durch Anfärben mit Ethidiumbromid oder durch radioaktive Markierung ("Nick-Translation" nach Maniatis, a.a.O.) sichtbar gemacht. Die Plasmidbande wird anschließend aus dem Acrylamidgel ausgeschnitten und elektrophoretisch vom Polyacrylamid abgetrennt. Die Auftrennung des Verdauungsansatzes kann auch auf 2%igen niedrigschmelzenden Agarosegelen (wie in Beispiel 5a) beschrieben) erfolgen.

1 µg Plasmid wird dann mit 10 ng Genfragment HIR-I, das zuvor wie in Beispiel 2 beschrieben phosphoryliert wurde, über Nacht bei 16°C ligiert. Man erhält das Hybridplasmid gemäß Figur 1.

b) Einbau des Genfragments HIR-II in pUC 8

Analog zu a) wird das handelsübliche Plasmid pUC 8 mit Bam HI und Sal I aufgeschnitten und mit dem Genfragment HIR-II, das zuvor wie in Beispiel 2 beschrieben phosphoryliert wurde, ligiert. Man erhält das Hybridplasmid gemäß Figur 2.

4. Synthese des kompletten Gens und Einbau in ein Plasmid

a) Transformation und Amplifikation

Die so erhaltenen Hybridplasmide werden in E. coli transformiert. Hierzu wird der Stamm E. coli K 12 durch Behandlung mit einer 70 mM Calciumchloridlösung kompetent gemacht und mit der Suspension des Hybridplasmids in 10 mM Tris-HCl-Puffer (pH 7,5), der 70 mM an Calciumchlorid ist, versetzt. Die transformierten Stämme werden wie üblich unter Ausnutzung der durch das Plasmid vermittelten Antibiotikaresistenzen bzw.

5 -empfindlichkeiten selektioniert und die Hybrid-  
vektoren amplifiziert. Nach Abtöten der Zellen werden  
die Hybridplasmide isoliert, mit den ursprünglich  
eingesetzten Restriktionsenzymen aufgeschnitten und  
die Genfragmente HIR-I und HIR-II durch Gel-  
elektrophorese isoliert.

b) Verknüpfung der Genfragmente

10 Die durch Amplifikation erhaltenen Subfragmente HIR-  
I und HIR-II werden wie im Beispiel 2 beschrieben  
(Annealing bei 60°C) enzymatisch verknüpft und das  
so erhaltene synthetische Gen mit der DNA-Sequenz  
I in den Klonierungsvektor pUC 12 eingeführt. Man  
erhält ein Hybridplasmid gemäß Figur 3.

15

c) Herstellung eines Gens für Val<sup>1</sup>, Val<sup>2</sup> -Hirudin

20 Aus dem Plasmid gemäß Figur 3 wird wie in Beispiel  
5a) beschrieben das AccI-SalI-Fragment (Nucleotide  
13-212) erhalten, welches dann mit Hilfe des fol-  
genden Adaptors

25 5' CT AGA ATG GTT GTA T 3'  
3' T TAC CAA CAT ATA 5'  
XbaI AccI

in das Plasmid pUC 12, das zuvor mit XbaI und SalI  
geöffnet wurde, ligiert werden kann.

30

d) Herstellung eines Gens für die Variante a) der  
Tabelle 2

Hierzu wird die folgende DNA-Sequenz synthetisiert:

35 5' GG GAA TTC ATG ATC ACA ACG T 3'  
CC CTT AAG TAC TAG TGT TGC ATA  
SmaI AccI

5 e) Herstellung eines Gens für die Variante b) der  
Tabelle 2  
Zunächst wird die folgende DNA-Sequenz synthetisiert:

15 Diese um das ACA-Triplett verkürzte DNA-Sequenz wird wie unter d) beschrieben eingebaut.

			Thr	Asp	Cys	Ile		
30	5'	AT	ACT	GAC	TGC	ATC	G	3'
			TGA	CTG	ACG	TAG	CTT	A
		AccI					HinfI	

35

g) Herstellung eines Gens für die Variante d) der  
Tabelle 2

Man geht ebenfalls von der DNA-Sequenz aus, wie sie  
vorstehend unter e) beschrieben ist (also für die  
Variante b) der Tabelle 2 kodiert), die mit AccI  
und SalI geschnitten wird. Das AccI-SalI-(Hirudin)-  
Fragment wird aber mit TaqI und DdeI umgesetzt und  
das herausgespaltene Fragment durch die synthetische  
DNA-Sequenz

10

			Glu	Pro	Ile			
5'	C	GAA	CCG	ATC	CC		3'	
		TT	GGC	TAG	GGA	CT		
		TaqI				Dde I		

15

ersetzt. Das derart veränderte AccI-SalI-(Hirudin)-  
Fragment wird nun mit der Restplasmid-DNA ligiert.  
Das erhaltene Plasmid kodiert für die Variante d)  
der Tabelle 2.

20

h) Herstellung eines Gens für die Variante g) der  
Tabelle 2

Aus dem Hybridplasmid gemäß Figur 2 wird das BamHI-  
SalI-(Hirudin)-Fragment isoliert und mit KpnI nach-  
geschnitten. Das größere der beiden entstandenen  
Fragmente wird isoliert und mit der synthetischen  
DNA-Sequenz

25

			Ser	Asp	Gly	Lys	Asn	Gln	Cys	Val
5'	GA	TCC	GAC	GAA	AAG	AAC	CAG	TGC	GTT	
		G	CTG	CTT	TTC	TTG	GTC	ACG	CAA	
		BamHI								

30

			Thr	Gly	Glu	Gly		
5'	ACT	GGC	GAA	GGT	AC		3'	
	TGA	CCG	CTT	C	Kpn I			

35

ligiert. Das Ligationsprodukt wird nun mit dem XbaI-

BamHI-(Hirudin)-Fragment, isoliert aus Plasmid-DNA gemäß Figur 1, verknüpft und - wie unter 4b) beschrieben - in pUC 12 eingeführt. Man erhält ein Hybridplasmid, das für die Variante g) der Tabelle 2 kodiert.

5

- 1) Herstellung eines Gens für die Variante f) der Tabelle 2

10

Aus der DNA, die für die Variante g) der Tabelle 2 kodiert, wird das XbaI-SalI-(Hirudin)-Fragment isoliert und mit HinfI umgesetzt. Das größere der beiden entstandenen Fragmente wird dann mit der synthetischen DNA-Sequenz

15

		Arg	Met	Thr	Tyr	Asp	Cys	Thr		
5'	CT	AGA	ATG	ACG	TAT	GAC	TGC	ACT	G	3'
		T	TAC	TGC	ATA	CTG	ACG	TGA	CTT	A
		XbaI								Hinf I

20

ligiert und das Ligationsprodukt in das mit XbaI und SalI geöffnete Plasmid pUC 12 inseriert. Das Hybridplasmid kodiert für die Variante f) der Tabelle 2.

25

- j) Herstellung weiterer Varianten  
Als Beispiele für weitere mögliche Varianten seien die folgenden angeführt:

30

Die DNA-Sequenzen, die für die Varianten c) und d) der Tabelle 2 kodieren, enthalten die BamHI-Erkennungsstelle entsprechend Position 97 bp der DNA-Sequenz I. Unter Ausnutzung dieser Schnittstelle lassen sich nun die vorstehend beschriebenen AccI-BamHI- bzw. BamHI-SalI-Teilsequenzen der beiden Varianten beliebig miteinander verknüpfen.

35

Alle diese Varianten können, analog wie für die DNA-Sequenz I beschrieben, in E. coli transformiert und exprimiert werden.



5. Konstruktion von Hybridplasmiden für die Expression  
der DNA-Sequenzen IA, IB und IC

a) Einbau der DNA-Sequenz IC in pKK 177.3 (Direktex-  
pression)

5 Das Expressionsplasmid pKK 177.3 (Plasmid ptac 11,  
Amman et al., Gene 25 (1983) 167, bei dem in die Eco  
RI-Erkennungsstelle synthetisch eine Sequenz einge-  
baut wurde, die eine Sal I-Schnittstelle enthält)  
10 wird mit den Restriktionsenzymen Eco RI und Sal I  
geöffnet. Aus dem Plasmid gemäß Figur 3 wird die DNA-  
Sequenz IC folgendermaßen gewonnen. Man schneidet das  
Plasmid zuerst mit dem Restriktionsenzym Sal I, dann  
mit dem Enzym Acc I und trennt dann das kleine Acc I -  
15 Sal I-Fragment durch Gelelektrophorese auf einem  
2%igen niedrig schmelzenden Agarosegel von der Plas-  
midbande ab, indem man die DNA durch Auflösen des Gels  
bei erhöhter Temperatur (nach Maßgabe der Hersteller)  
wiedergewinnt. Dieses DNA-Fragment läßt sich mit  
20 Hilfe des folgenden Adaptors  
5' AATTC ATG ACG T 3'  
3' G TAC TGC ATA 5'  
Eco RI Acc I  
zur DNA-Sequenz IC umsetzen.

25 Durch Ligation des aufgeschnittenen Plasmids pKK 177.3  
mit dem Gen IC wird ein Hybridplasmid geschaffen, bei  
dem der Insertion eine Expressions- bzw. Regulations-  
region vorgeschaltet ist. Nach Zugabe eines geeigneten  
Induktors wie Isopropyl- $\beta$ -thiogalactopyranosid (IPTG)  
30 wird eine mRNA gebildet, die zur Expression des  
Methionyl-Polypeptids entsprechend der DNA-Sequenz  
IC führt.

b) Einbau der Hirudin-Gene IA bzw. IB in das Ex-  
pressionsplasmid pCK-5196 (Fusionskonstruktion)

35

Das Expressionsplasmid pCK-5196 (Fig. 4) ist ein  
Derivat des Plasmids pAT 153 (Twigg u. Sherrat), wel-  
ches selbst ein "high-copy-number"-Derivat des be-  
kannten Plasmids pBR 322 darstellt. Es enthält den  
5 bekannten Lac UV<sup>5</sup>-Promotor mit der bekannten Sequenz  
der  $\beta$ -Galaktosidase bis Nukleotid Nr. 1554  
(entsprechend Aminosäure Nr. 518:Trp), eingesetzt  
zwischen das tet<sup>R</sup>-Gen (Hind III von pBR 322) und den  
Terminator des amp<sup>R</sup>-Gens (Aha III in Pos. 3231 in pBR  
10 322). Ein weiteres Merkmal dieses Vektors ist die  
zwischen die  $\beta$ -Galaktosidasesequenz und die Termina-  
torsequenz eingesetzte, aus dem bekannten Plasmid pUC  
13 stammende Polylinker-Sequenz. Die Transkription  
des lac UV<sup>5</sup>-Promoters läuft gegen das tet<sup>R</sup>-Gen ab.

15 Dieses Plasmid enthält bei der Aminosäure Nr. 518 der  
 $\beta$ -Galactosidase den Polylinkeranteil Xba I-Bam HI-  
Sma I-Sst I aus dem Plasmid pUC 13, der als Klon-  
ierungsstelle für eukaryotische Gene dient. Das  
20 Plasmid pCK-5196 wird mit Hilfe der Restriktionsenzyme  
Xba I und Sst I geöffnet und mit der DNA-Sequenz IA  
ligiert, welche man aus dem Plasmid gemäß Fig. 3 durch  
Xba I-Sst I-Verdauung isolieren kann. Man erhält ein  
Hybridplasmid gemäß Fig. 5, das hinter der lac  
25 UV<sup>5</sup>-Kontrollregion die Codons für die ersten 518  
Aminosäuren der  $\beta$ -Galactosidase und daran anschließend  
die Codons für Ser-Arg-Met-(Hirudin 1-64) enthält.

Auf gleiche Weise kann man ein Hybridplasmid gem. Fig.  
30 6 erhalten, welches im Plasmid pCK-5196 die Insertion  
mit der DNA-Sequenz IB enthält, bei welcher dem Codon  
für die Aminosäure Nr. 1 (Threonin) nun aber das Codon  
für die Aminosäure Arginin vorangestellt ist. Die DNA-  
Sequenz IB erhält man aus dem Plasmid gemäß Fig. 3,  
35 indem man dieses mit den Restriktionsenzymen Sst I und  
Acc I schneidet und mit dem folgenden Adaptor ligiert:

5' CT AGA CGT ACG T 3'  
3' T GCA TGC ATA 5'  
Xba I Acc I

5 6. Transformation der Hybridplasmide.

Kompetente E. coli-Zellen werden mit 0,1 bis 1 µg der Hybridplasmide, die die Sequenz I bzw. IA, IB oder IC enthalten, transformiert und im Falle der tac-Plasmide auf Ampicillin enthaltenden Agarplatten, im Falle der pCK-5196 Hybridplasmide auf Tetracyclin enthaltenden Agarplatten plattiert. Anschließend lassen sich Klone, die die korrekt integrierten Hirudin-Sequenzen in den entsprechenden Plasmiden enthalten, durch DNA-Schnellauf-  
10 arbeitung identifizieren (Maniatis, a.a.O.).  
15

7. Expression der Hirudin-Aktivität aufweisenden Polypeptide

20 Nach Transformation der genannten tac-Hybridplasmide in E. coli wird ein Polypeptid exprimiert, das außer der Hirudin-Aminosäuresequenz am Aminoterminal noch eine zusätzliche Methionylgruppe trägt, welche aber durch Bromcyanspaltung eliminierbar ist. Dagegen erhält man  
25 nach der Transformation von E. coli mit dem Hybridplasmid gemäß Fig. 5 bzw. Fig. 6 Fusionsproteine aus 518 Aminosäuren der β-Galactosidase und Hirudin, die über die Sequenz Ser-Arg-Met bzw. Ser-Arg-Arg miteinander ver-  
30 brückt sind. Diese Fusionsproteine lassen sich mit Bromcyan bzw. mit Trypsin zu Hirudin und β-Galactosidase-Fragmenten spalten.

8. Aufarbeitung und Reinigung

35 Die zur gewünschten optischen Dichte kultivierten Bakterienstämme werden mit einem geeigneten Induktor,

beispielsweise IPTG, hinreichend lange, beispielsweise 2 Stunden, inkubiert. Anschließend werden die Zellen mit 0,1 % Kresol und 0,1 mM Benzylsulfonylfluorid abgetötet.

- 5 Nach Zentrifugieren oder Filtrieren wird die Zellmasse in einer Pufferlösung (50 mM Tris, 50 mM EDTA, pH 7,5) aufgenommen und mechanisch aufgeschlossen, beispielsweise mit einer French-Pressse bzw. <sup>(R)</sup>DYNO-Mühle (Fa. Willy Bachofer, Basel), worauf die unlöslichen Bestand-
- 10 teile abzentrifugiert werden. Aus dem Überstand wird das das Hirudin enthaltende Protein nach üblichen Verfahren gereinigt. Geeignet sind Ionenaustauscher-, Adsorptions-, Gelfiltrationssäulen oder Affinitätschromatographie an Thrombin- oder Antikörpersäulen. Durch Natriumdodecyl-
- 15 sulfat-Acrylamidgel-oder HPLC-Analytik werden Anreicherung und Reinheit des Produktes kontrolliert. Fusionsproteine mit einem  $\beta$ -Galactosidase-Anteil lassen sich bereits im Rohextract der lysierten Bakterien anhand ihres unterschiedlichen Laufverhaltens von der  $\beta$ -
- 20 Galactosidase (1-518) nachweisen. Die Charakterisierung des gentechnologisch erzeugten Hirudins erfolgt durch Vergleich mit der aus Blutegeln isolierten, authentischen Substanz bzw. mit Hilfe von Tests, die auf den blutgerinnungshemmenden Eigenschaften des Hirudins
- 25 beruhen.

DNA-Sequenz I

Triplet Nr.

Aminosäure

Nucleotid Nr.

Cod. Strang

nicht cod. Strang

		1		AGA		0	1	2	3	4	5
		CT		T		Met	Thr	Tyr	Thr	Asp	Cys
		5'				ATG	ACG	TAT	ACT	GAC	TGC
		3'				TAC	TGC	ATA	TGA	CTG	ACG
6	7	8	9	10	11	12	13	14	15		
Thr	Glu	Ser	Gly	Gln	Asn	Leu	Cys	Leu	Cys		
		30			40						
ACT	GAA	TCT	GGT	CAG	AAC	CTG	TGC	CTG	TGC		
TGA	CIT	AGA	CCA	GTC	TTG	GAC	ACG	GAC	ACG		
16	17	18	19	20	21	22	23	24	25		
Glu	Gly	Ser	Asn	Val	Cys	Gly	Gln	Gly	Asn		
		60			70						
GAA	GGA	TCT	AAC	GTT	TGC	GGC	CAG	GGT	AAC		
CTT	CCT	AGA	TTG	CAA	ACG	CCG	GTC	CCA	TTG		
26	27	28	29	30	31	32	33	34	35		
Lys	Cys	Ile	Leu	Gly	Ser	Asp	Gly	Glu	Lys		
		90			100						
AAA	TGC	ATC	CTT	GGA	TCC	GAC	GGT	GAA	AAG		
TTT	ACG	TAG	GAA	CCT	AGG	CTG	CCA	CTT	TTC		
36	37	38	39	40	41	42	43	44	45		
Asn	Gln	Cys	Val	Thr	Gly	Glu	Gly	Thr	Pro		
		120			130						
AAC	CAG	TGC	GTT	ACT	GGC	GAA	GGT	ACC	CCG		
TTG	GTC	ACG	CAA	TGA	CCG	CTT	CCA	TGG	GGC		
46	47	48	49	50	51	52	53	54	55		
Lys	Pro	Gln	Ser	His	Asn	Asp	Gly	Asp	Phe		
		150			160						
AAA	CCG	CAG	TCT	CAT	AAC	GAC	GGC	GAC	TTC		
TTT	GGC	GTC	AGA	GTA	TTG	CTG	CCG	CTG	AAG		
56	57	58	59	60	61	62	63	64			
Glu	Glu	Ile	Pro	Glu	Glu	Tyr	Leu	Gln	Stp		
		180			190						
GAA	GAG	ATC	CCT	GAG	GAA	TAC	CTT	CAG	TAA		
CTT	CTC	TAG	GGA	CTC	CTT	ATG	GAA	GTC	ATT		
Stp											
		210									
TAG	AGC	TCG			3'						
ATC	TCG	AGC	AGC	T	5'						

DNA-Sequenz IA:

	O						
		Met	(Aminosäuren 1-64)				
	1	5		205	210		
5'	CT	AGA	ATG (Nucleotide 9-200)	TAA	TAG	AGC	T 3'
3'		T	TAC (complement. Nucl.)	ATT	TAC		5'
	XbaI						
						SstI	

DNA-Sequenz IB:

	O						
		Arg	(Aminosäuren 1-64)				
	1	5		205	210		
5'	CT	AGA	CGT (Nucleotide 9-200)	TAA	TAG	AGC	T 3'
3'		T	TAC (complement. Nucl.)	ATT	ATC		5'
	XbaI						
						SstI	

DNA-Sequenz IC:

	O						
		Met	(Aminosäuren 1-64)				
				205	210		
5'	AA	TTC	ATG (Nucleotide 9-200)	TAA	TAG	AGC	TCG 3'
		G	TAC (complement. Nucl.)	ATT	ATC	TCG	AGC AGC T 5'
	EcoRI						
						Sali	

DNA-Sequenz II A (HIR-I)

					I a									
Nucleotid-Nr.					10					20				
Cod. Strang					5'	CT	AGA	ATG	ACG	TAT	ACT	GAC	TGC	
nicht cod. Strang					3'		T	TAC	TGC	ATA	TGA	CTG	ACG	
XbaI														
I b														
I c														
30					40					50				
ACT	GAA	TCT	GGT	CAG	AAC	CTG	TGC	CTG	TGC					
TGA	CTT	AGA	CCA	GTC	TTG	GAC	ACG	GAC	ACG					
I b														
I d														
I c					I e									
60					70					80				
GAA	GGA	TCT	AAC	GTT	TGC	GGC	CAG	GGT	AAC					
CTT	CCT	AGA	TTG	CAA	ACG	CCG	GTC	CCA	TTG					
I d														
I f														
I e														
90														
AAA	TGC	ATC	CTT	G	Bam HI	3'								
TTT	ACG	TAG	GAA	CCT	AG	5'								
I f														

DNA-Sequenz II B (HIR-II)

					II a				
Nucleotid-Nr.					100			110	
cod. Strang					5'	GA	TCC	GAC	GGT
nicht cod. Strang					3'	BamHI	G	CTG	CCA
									CTT
									TTC
									II b
					II a				
					120				
					AAC	CAG	TGC	GTT	ACT
					TTG	GTC	ACG	CAA	TGA
					II b				
					II c				
					130				
					GGC	GAA	GGT	ACC	CCG
					CCG	CTT	CCA	TGG	GGC
					II d				
					II e				
					150				
					AAA	CCG	CAG	TCT	CAT
					TTT	GGC	GTC	AGA	GTA
					II d				
					II e				
					180				
					GAA	GAG	ATC	CCT	GAG
					CTT	CTC	TAG	GGA	CTC
					II f				
					II g				
					190				
					GAA	TAC	CTT	CAG	TAA
					CTT	ATG	GAA	GTC	ATT
					II h				
					210				
					TAG	AGC	TCG	Sal I	3'
					ATC	TCG	AGC	AGC	T
									5'
					II h				



PATENTANSPRÜCHE:

1. Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids mit Hirudin-aktivität der allgemeinen Formel I

(X)<sub>m</sub>-A-B-C-Tyr-D-Asp-Cys-E-Glu-Ser-Gly-Gln-Asn-Leu-Cys-Leu-  
5 -Cys-Glu-Gly-Ser-Asn-Val-Cys-Gly-Gln-Gly-Asn-Lys-Cys-Ile-  
-Leu-Gly-Ser-Asp-F-G-Lys-Asn-Gln-Cys-Val-Thr-Gly-Glu-  
-Gly-Thr-Pro-Lys-Pro-Gln-Ser-His-Asn-Asp-Gly-Asp-Phe-Glu-  
10 -H-Ile-Pro-Glu-Glu-Tyr-Leu-Gln-(Z)<sub>n</sub>-OH

(I)

15

in welcher

m= 0 - 50,

n= 0 - 100 und

20 X für gleiche oder verschiedene Reste genetisch codier-  
barer Aminosäuren steht,

A Ile oder eine direkte Bindung,

B Ile, Thr oder eine direkte Bindung,

C Thr, Val, Ile, Leu oder Phe,

D Thr oder eine direkte Bindung,

25 E Thr oder Ile,

F Gly oder eine direkte Bindung,

G Glu oder eine direkte Bindung,

H Glu oder Pro bedeuten, und

30 Z für gleiche oder verschiedene Reste genetisch codier-  
barer Aminosäuren steht,

dadurch gekennzeichnet, daß man in ein Expressionsplasmid  
ein Gen einbaut, das für ein Polypeptid der Formel I co-  
diert, wobei weitere der Aminosäuren entfallen oder durch  
(eine) andere genetisch codierbare Aminosäure(n) ersetzt  
35 werden kann (können).

2. Verfahren nach Anspruch 1, dadurch gekennzeichnet, daß man ein Gen einbaut, dessen nicht-codierender Strang mit dem codierenden Strang des für das Polypeptid der Formel I codierenden Gens hybridisiert.  
5
3. Verfahren nach Anspruch 1 oder 2, dadurch gekennzeichnet, daß das Gen chemisch, vorzugsweise nach dem Phosphitverfahren, oder über die mRNA enzymatisch synthetisiert wird.  
10
4. Verfahren nach einem oder mehreren der vorhergehenden Ansprüche, dadurch gekennzeichnet, daß das Gen im Anschluß an das Codon für die carboxyterminale Aminosäure zwei Stop-Codons enthält.  
15
5. Verfahren nach einem oder mehreren der vorhergehenden Ansprüche, dadurch gekennzeichnet, daß in der allgemeinen Formel I  $(X)_m$ -A-B-C- nicht für Val-Val- steht, wenn n Null ist, D und E Thr, F Gly und G und H Glu bedeuten.  
20
6. Verfahren nach einem oder mehreren der vorhergehenden Ansprüche, dadurch gekennzeichnet, daß das Gen der DNA-Sequenz I entspricht.  
25
7. DNA-Sequenzen I, IA, IB, IC, IIA und IIB.  
30
8. Fusionspeptid, dadurch gekennzeichnet, daß es das Polypeptid der allgemeinen Formel I ganz oder teilweise enthält und vorzugsweise sein bakterieller Anteil die Aminosäuresequenz der  $\beta$ -Galactosidase ganz oder teilweise enthält.  
35
9. Hybridplasmid, dadurch gekennzeichnet, daß es eine DNA-Sequenz enthält, die ganz oder teilweise für das Polypeptid der Formel I codiert.
10. Wirtsorganismus, vorzugsweise E.coli, der ein Hybridplasmid nach Anspruch 9 enthält.

Patentansprüche Österreich:

1. Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids mit Hirudin-aktivität der allgemeinen Formel I.

5 H-(X)<sub>m</sub>-A-B-C-Tyr-D-Asp-Cys-E-Glu-Ser-Gly-Gln-Asn-Leu-Cys-Leu-  
-Cys-Glu-Gly-Ser-Asn-Val-Cys-Gly-Gln-Gly-Asn-Lys-Cys-Ile-  
-Leu-Gly-Ser-Asp-F-G-Lys-Asn-Gln-Cys-Val-Thr-Gly-Glu-  
10 -Gly-Thr-Pro-Lys-Pro-Gln-Ser-His-Asn-Asp-Gly-Asp-Phe-Glu-  
-H-Ile-Pro-Glu-Glu-Tyr-Leu-Gln-(Z)<sub>n</sub>-OH

(I)

15

in welcher

m= 0 - 50,

n= 0 - 100 und

20 X für gleiche oder verschiedene Reste genetisch codier-  
barer Aminosäuren steht,

A Ile oder eine direkte Bindung,

B Ile, Thr oder eine direkte Bindung,

C Thr, Val, Ile, Leu oder Phe,

D Thr oder eine direkte Bindung,

25 E Thr oder Ile,

F Gly oder eine direkte Bindung,

G Glu oder eine direkte Bindung,

H Glu oder Pro bedeuten, und

30 Z für gleiche oder verschiedene Reste genetisch codier-  
barer Aminosäuren steht,

dadurch gekennzeichnet, daß man in ein Expressionsplasmid  
ein Gen einbaut, das für ein Polypeptid der Formel I co-  
diert, wobei weitere der Aminosäuren entfallen oder durch  
(eine) andere genetisch codierbare Aminosäure(n) ersetzt  
35 werden kann (können).

2. Verfahren nach Anspruch 1, dadurch gekennzeichnet, daß man ein Gen einbaut, dessen nicht-codierender Strang mit dem codierenden Strang des für das Polypeptid der Formel I codierenden Gens hybridisiert.
- 5
3. Verfahren nach Anspruch 1 oder 2, dadurch gekennzeichnet, daß das Gen chemisch, vorzugsweise nach dem Phosphitverfahren, oder über die mRNA enzymatisch synthetisiert wird.
- 10
4. Verfahren nach einem oder mehreren der vorhergehenden Ansprüche, dadurch gekennzeichnet, daß das Gen im Anschluß an das Codon für die carboxyterminale Aminosäure zwei Stop-Codons enthält.
- 15
5. Verfahren nach einem oder mehreren der vorhergehenden Ansprüche, dadurch gekennzeichnet, daß in der allgemeinen Formel I  $H-(X)_m-A-B-C-$  nicht für H-Val-Val- steht, wenn n Null ist, D und E Thr, F Gly und G und H Glu bedeuten.
- 20
6. Verfahren nach einem oder mehreren der vorhergehenden Ansprüche, dadurch gekennzeichnet, daß das Gen der DNA-Sequenz I entspricht.

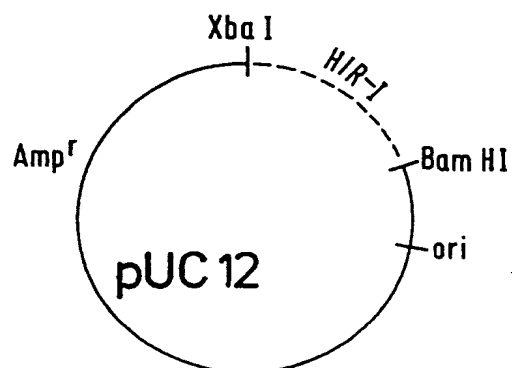


FIG. 1

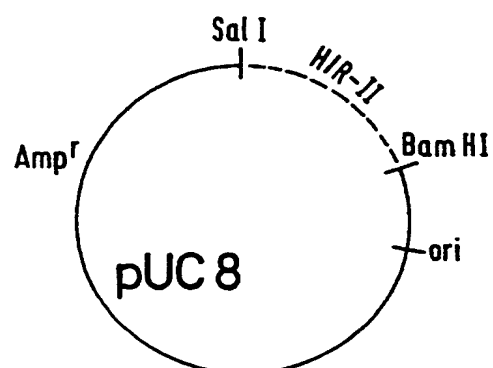


FIG. 2

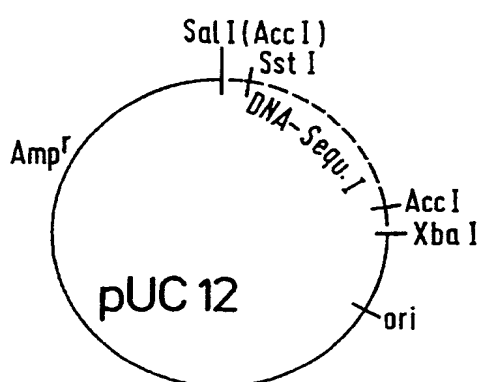


FIG. 3

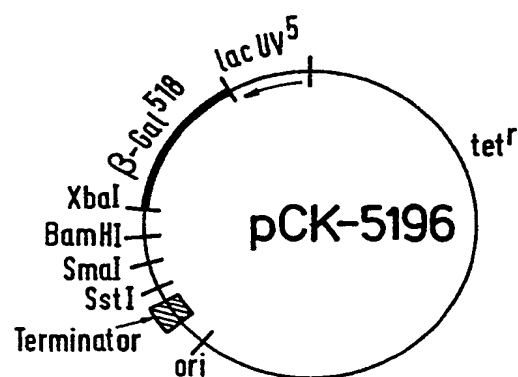


FIG. 4

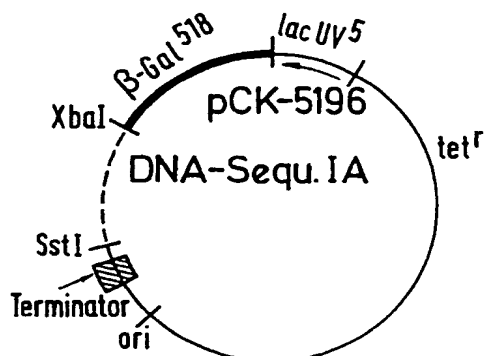


FIG. 5

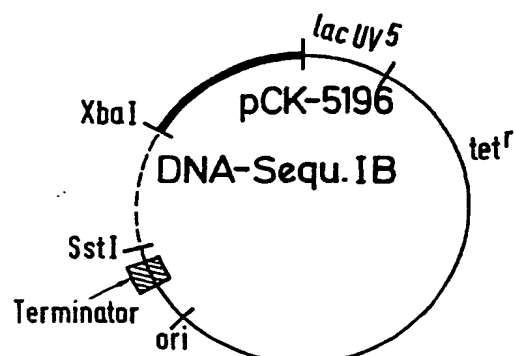


FIG. 6



Europäisches  
Patentamt

# EUROPÄISCHER RECHERCHENBERICHT

0 171 024

EP 85109567.9

EINSCHLÄGIGE DOKUMENTE			
Kategorie	Kennzeichnung des Dokuments mit Angabe, soweit erforderlich, der maßgeblichen Teile	Betrifft Anspruch	KLASSIFIKATION DER ANMELDUNG (Int. Cl. 4)
A	FEBS LETTERS, Vol. 165, Nr. 2, 9. Jänner 1984, Amsterdam, New York  J. DOOT et al. "The complete amino acid sequence of hirudin, a thrombin specific inhibitor" Seiten 180-184  * Gesamt *  -----	1,8	C 12 N 15/00 C 12 P 21/02 C 12 P 19/34 C 07 K 7/10 C 12 N 1/20 //C 12 R 1:19
			RECHERCHIERTE SACHGEBIETE (Int. Cl. 4)
			C 12 N C 12 P C 07 K
Der vorliegende Recherchenbericht wurde für alle Patentansprüche erstellt.			
Recherchenort WIEN		Abschlußdatum der Recherche 30-10-1985	
		Prüfer WOLF	
<b>KATEGORIE DER GENANNTEN DOKUMENTEN</b>			
X : älteres Patentedokument, das jedoch erst am oder nach dem Anmeldedatum veröffentlicht worden ist			
Y : von besonderer Bedeutung in Verbindung mit einer anderen Veröffentlichung derselben Kategorie			
D : in der Anmeldung angeführtes Dokument			
L : aus andern Gründen angeführtes Dokument			
A : technologischer Hintergrund			
O : nichttechnische Offenbarung			
P : Zwischenliteratur			
T : Mitglied der gleichen Patentfamilie, übereinstimmendes Dokument			
der Erfindung zugrunde liegende Theorien oder Grundsätze			